辐射对里海盐爪爪内生微生物群落多样性的影响

刘晓静， 唐琦勇， 张丽娟， 顾美英， 张志东，
王 博， 王 玮， 朱 静
（新疆农业科学院微生物应用研究所/新疆特殊环境微生物重点实验室，新疆 乌鲁木齐 830091）

摘 要：为研究不同辐射强度对里海盐爪爪不同组织中内生微生物群落的影响，利用Biolog-Eco微平板法结合土壤的理化性质，对新疆不同辐射强度污染区的里海盐爪爪地上部分和根部内生微生物群落代谢活性、碳源利用类型、多样性、主成分和环境因子间的差异进行了分析。结果表明：(1) 各处理间代谢活性随培养时间的延长而提高，植物不同组织内生菌群落代谢活性存在明显差异。(2) 地上部分样品中的主要菌群为利用碳水化合物类、氨基酸类的微生物；根部样品中的主要菌群为利用碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类和多聚物类的微生物。(3) 不同辐射强度污染区植物样品及植物不同部位的内生菌群落结构也存在显著差异。尤其在根部样品中，中度辐射污染区的代谢活性和多样性指数显著低于其他污染区。(4) 土壤全氮、有机质、速效钾和氯根与微生物群落多样性显著相关，但辐射强度与里海盐爪爪内生菌群落多样性之间没有显著的相关性。本研究揭示了不同辐射强度对植物内生微生物生长代谢、碳源利用及群落多样性的影响，为辐射污染区微生物资源的开发和利用提供了科学依据。

关键词：辐射污染；里海盐爪爪；内生菌群落；代谢特征；新疆

植物内生菌是指存活于健康植物组织内部，而又不引发宿主植物表现出明显感染症状的微生物类群[1]。目前，研究过的植物中均发现了内生菌的存在。其可改善植物生长状况[2]，提高其抵抗盐碱[3]、干旱[4]和病虫害等环境胁迫的能力[5]。同时，内生菌能产生丰富的次级代谢产物，是新结构活性化合物筛选的重要微生物资源库[6-7]。有关植物内生菌的研究，不仅在系统分类学、生态学和生物多样性等研究上具有重要的理论意义，也在工农业生产、生物医药以及基因操作应用上具有广泛的应用价值[8-10]。

盐爪爪属（*Kalidium*），为藜科多年生灌木，现共有5个种，是典型的盐生植物，广泛分布于盐碱荒漠生境中，其在我国新疆辐射污染区多有分布。相关研究表明，盐爪爪在生长过程中，其根际土壤中多种离子显著提高，特别是对Cl^-和Na^+的富集具有良好的效果，促使根际形成“盐岛”效应[11]。而盐爪爪作为稀盐植物，吸收的盐离子，可通过叶的肉质化大量吸收和存储的水分将吸入体内的盐分子予以稀释，从而达到避盐的功能[12]。目前，国内外关于盐爪爪的研究多集中在其形态解剖特点[13]、根系适盐特性[14]、盐分对种子萌发的影响[15]、耐盐分子机理及相关基因等方面[16-17]，关于其内生微生物等研究鲜有报道。

辐射污染环境是极为特殊的生态系统，可孕育独特的生物多样性，然而由于辐射污染区域的特殊性，使得人们对这一特殊生境中微生物群落的多样性了解甚少，而对于辐射污染区植物的内生菌仅有个别研究进行了报道[18]。盐爪爪属植物在我国新疆辐射污染区域内分布广泛，它们能够改良盐碱土壤，具有吸收和转移多种放射性物质的能力，对盐碱土壤改良，辐射污染地区的土体恢复和生态重建，特别是核素污染治理具有重要应用价值[19-21]。另有研究表明，放射性污染区中盐生植物对放射性元素^{90}Sr具有明显的富集作用[21]。但目前关于此环境下盐爪爪内生菌群落多样性的报道很少。

研究区域位于我国新疆辐射污染区某汇水区，由于地理气候原因，加之季节性洪水流经辐射污染

收稿日期：2019-10-18； **修订日期：**2020-05-20
基金项目：国家自然科学基金地区基金（31760009）；新疆自治区“天山青年”人才培养项目（2017Q045）资助
作者简介：刘晓静（1994-），女，硕士，主要从事微生物学. E-mail: 1103713890@qq.com
通讯作者：朱静. E-mail: 122543537@qq.com

区域的盐碱土壤,致使该汇水区地表20 cm以上土壤含盐量高达2%以上,放射性核素水平是正常值的3~5倍。本研究以该辐射污染区里海盐爪爪为研究对象,利用Biolog-Eco微平板分析不同辐射强度对里海盐爪爪不同组织中内生微生物群落代谢特征的影响,旨在初步解析不同辐射强度污染区里海盐爪爪内生微生物多样性,为进一步开展相关研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 植物及土壤样品采集

植物样品于2018年5月采自新疆干旱荒漠地区(91°45′42″E, 40°39′75″N),经植物ITS序列分子比对,以及形态学分析,初步确定其为里海盐爪爪(*Kalidium capsicum*)。根据土壤中不同^{137}Cs辐射强度将采样区域分为4个等级,其中,CK为未受辐射污染的区域;L为轻度污染区域;M为中度污染区域;H为重度污染区域。每个区域均使用对角线五点采样法,每个采样点间隔10 m,选取1株完整植株,装入灭菌的牛皮纸袋内,编号记录。4 ℃条件下进行保存,并在48 h内完成样品的处理。

土壤样品也采自上述区域,每份土壤样品由5份土芯混合而成,土芯用土钻从表层0~15 cm的深度取得。取出土芯后,混合并用2 mm孔径的筛子过筛,去除土样中的石块和植物根系等杂物,装袋封口并作好标记,土壤样品在冰块中保存,运回实验室于4 ℃保存。由新疆农业科学院农业质量标准与检测技术研究所进行理化性质的测定。

1.2 样品表面消毒

将所采植株样品分为地上部分(茎、叶)和根部,分别标示为aerial parts和roots。表面消毒方法参照文献[22]进行,把植物组织用自来水冲洗干净后,依次放入75%酒精浸泡1 min,3.3% 次氯酸钠浸泡5 min,75%酒精浸泡0.5 min,最后用无菌水冲洗3次后用滤纸吸干备用。

1.3 土壤理化指标的测定

土壤主要化学性质依据土壤分析方法标准(DB65/T602)测定;pH采用国标土壤pH的测定法(NY/T 1377–2007)测定;有机质采用重铬酸钾–硫酸法(GB 9834–88)测定;全氮采用凯氏定氮法测定;土壤水溶性全盐分采用质量法测定;土壤辐射剂量率由便携式环境辐射检测仪(上海贝圣电子技术有限公司)测定;全磷采用酸溶–钼锑抗显色法测定;全钾含量采用GB9836–88碱熔–原子吸收分光光度法测定。

1.4 内生菌群落碳源代谢利用测定

无菌条件下,分别称取植物地上部分和根部各1.0 g,加入50 mL灭菌的生理盐水(0.85%)中,使用粉碎机粉碎混匀,然后将样品稀释至10^{-3},取上述稀释液加入Biolog-Eco微平板中,每微孔加150 μL。将微平板放置于30 ℃恒温培养箱内连续培养7 d。采用Biolog分析鉴定系统对样品进行测定。

1.5 数据处理及统计分析

微生物的代谢活性采用Biolog-Eco微平板孔中AWCD值来描述,计算公式如下:$AWCD=\sum(Ci-Ri)/n$,式中:Ci为每个碳源孔的光密度值;Ri为对照孔的光密度值;n为31种碳源培养基种类数。Biolog-Eco微平板31种碳源可分为六大类:碳水化合物类、氨基酸类、酸类、酚类、多聚化合物类和胺类[23]。根据各类碳源的变化情况,可分析样品中微生物对不同类型碳源的利用情况。其中,研究采用Simpson、Shannon-Wiener和McIntosh三个指数来表征土壤微生物群落功能和种群多样性[24-25]。AWCD、多样性指数、相关性分析、主成分分析(PCA)及相关的方差分析等工作采用DPS v9.50版和Graph Prism7.0软件进行。

2 结果与分析

2.1 内生菌群落代谢活性分析

不同辐射强度污染区样品及其不同部位的内生菌AWCD值随培养时间的延长而增高,120 h后趋于稳定。比较分析发现,地上部分样品的M组内生菌代谢活力显著高于其他样品(图1a)。根部样品中的CK、L组内生菌代谢活力较高,M、H组内生菌的整体活性偏低(图1b)。

2.2 内生菌群落碳源利用类型分析

进一步对其碳源利用情况的分析发现,地上部分样品以利用碳水化合物类、氨基酸类微生物为主(图2a);根部样品以利用碳水化合物类、氨基酸类、羧酸类和多聚物类的微生物为主(图2b)。随着辐射强度的增加,各处理对碳源的利用趋势发生显著变化,且存在明显不同。随着辐射强度的增加,地

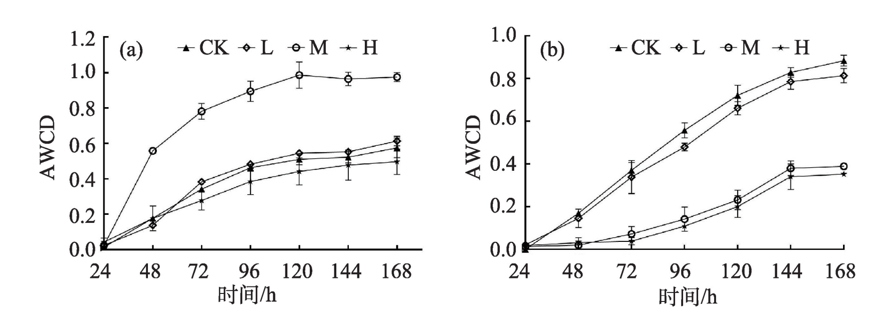


图1 不同区域里海盐爪爪地上部分(a)和根部(b)内生菌AWCD值

Fig. 1 AWCD of endophytes in aerial parts(a) and roots(b) of *Kalidium caspicum* from different areas

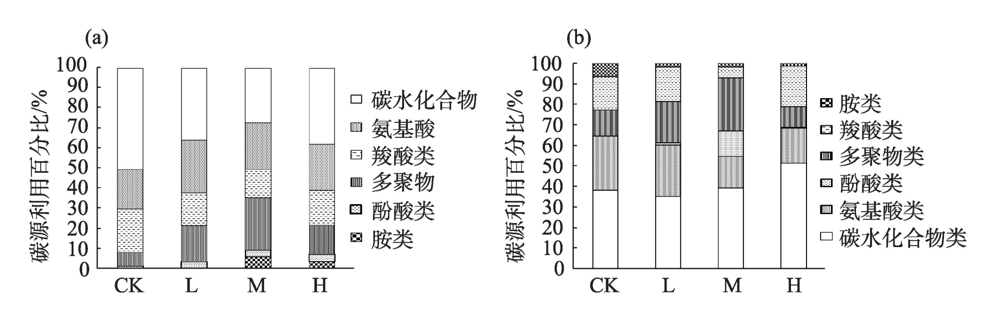


图2 不同区域地上部分(a)和根部(b)内生菌群落对不同类型碳源利用

Fig. 2 Different types of carbon source utilization for endophytes community in aerial parts(a) and roots(b) of *Kalidium capsicum*

上部分各处理利用碳水化合物类微生物呈先下降后上升的趋势,而利用氨基酸类微生物则呈先上升后下降的趋势;根部样品利用碳水化合物类、氨基酸类微生物呈先下降后上升的趋势。

2.3 内生菌群落多样性分析

选取地上部分120 h和根部144 h的AWCD值计算微生物群落的Simpson、Shannon和McIntosh多样性指数。由表1可知,不同辐射强度污染区内生菌群落多样性存在明显不同。在CK和L中,根部内生菌群落的AWCD值较地上部分略高,但M和H的AWCD值又较地上部分低。尤其M组地上部分AWCD值和多样性指数显著高于其他处理组,但根部数据又显著低于其他处理组。

2.4 内生菌主成分分析

由图3可知,累计贡献率达82%,其中第一主成分(PC1)的方差贡献率为32.2%,第二主成分(PC2)的方差贡献率为49.8%。且地上部分的样品均分布于PC1轴正向,而所有根部样品均分布在PC1轴负向。

进一步对其中较高利用率的碳源的分析发现,31种碳源中有8种碳源与PC1相关性较强(表2),它们分别属于N-乙酰-D-葡萄糖胺、D-纤维二糖、L-天门冬酰胺、甘氨酰-L-谷氨酸、吐温40、吐温80、γ-羟丁酸和衣康酸;与PC2相关性强的碳源有两种,分别为β-甲基-D-葡萄糖苷和i-赤藓糖醇。说明与PC1相关性较强的8种碳源和与PC2相关性强

表1 不同区域地上部分和根部内生菌群落多样性指数

Tab. 1 Diversity indexes of endophytes community in aerial parts and roots of *Kalidium capsicum* from different areas

处理	AWCD	Simpson(*D*)	Shannon(*H*)	McIntosh(*U*)	AWCD	Simpson(*D*)	Shannon(*H*)	McIntosh(*U*)
	地上部分				根部			
CK	0.53±0.03a	0.97±0.00c	3.68±0.03c	0.92±0.01c	0.79±0.05a	0.99±0.00ab	4.50±0.05a	0.96±0.00b
L	0.51±0.30a	0.98±0.01b	3.96±0.15b	0.95±0.02b	0.62±0.13a	0.99±0.00ab	4.40±0.14ab	0.96±0.00b
M	0.91±0.32a	0.98±0.00b	4.45±0.17a	0.95±0.01b	0.29±0.24b	0.95±0.09b	2.99±1.50b	0.93±0.12b
H	0.41±0.02a	0.99±0.00a	4.05±0.16b	0.99±0.01a	0.25±0.10b	1.04±0.03a	4.26±0.17ab	1.08±0.06a

注:每组同列的不同字母表示差异显著性水平。小写字母表示在$P<0.05$水平上显著。下同。

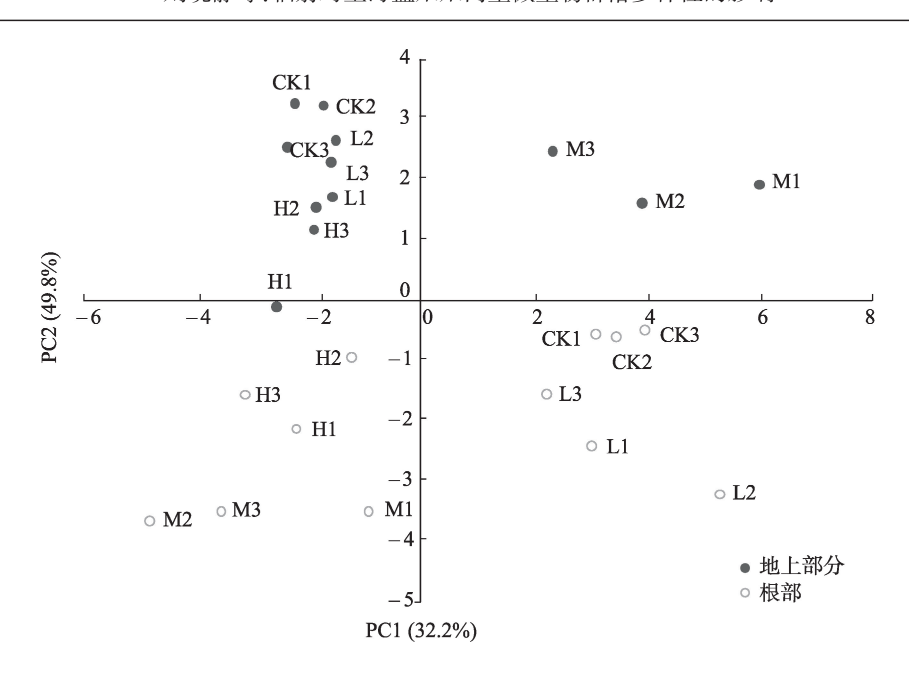


图3　植物不同部位内生菌群落碳源利用能力的成分分析

Fig. 3　The component analysis of carbon utilization capability of microbial communities in different part of *Kalidium capsicum* from different areas

表2　PC1和PC2贡献率较高的部分碳源（|*r*|＞0. 7）

Tab. 2　The carbon source with high contribution rate for PC1 and PC2 (|*r*|＞0. 7)

碳源类型		PC1	PC2
碳水化合物类	β-甲基-D-葡萄糖苷	−0.16	0.84
	i-赤藓糖醇	0.09	0.81
	N-乙酰-D-葡萄糖胺	0.76	−0.12
	D-纤维二糖	0.79	0.07
氨基酸类	L-天门冬酰胺	0.75	0.25
	甘氨酰-L-谷氨酸	0.80	0.18
多聚物	吐温40	0.73	−0.38
	吐温80	0.90	−0.04
羧酸类	γ-羟丁酸	0.79	−0.26
	衣康酸	0.73	−0.15

的两种碳源决定了PC1、PC2的分异，使地上部分和根部内生微生物群落代谢功能多样性存在显著差异。

2.5　不同辐射污染区的土壤性质分析

土壤样品主要理化性质的测定结果表明（表3）：不同辐射强度污染区的土壤均呈碱性，全盐含量在3.2~5.0 g·L^{-1}，属于弱盐渍土；有机质含量基本在1%左右，属于荒漠土；其中，各污染区土壤pH均呈碱性，高辐射强度污染区土壤样品pH相对较低，但其全氮、有机质和有效磷的含量显著高于其他污染区样品。而中度辐射污染区的全氮、有机质、有效磷和速效钾均低于其他污染区样品。

进一步将各指数与环境因子进行Pearson分析得知（表4），土壤全氮、有机质与Simpson指数即群落物种的优势度有显著相关性（P<0.05），速效钾和氯离子对shannon指数即内生菌群落多样性有显著影响（P<0.05），但辐射强度与内生菌群落多样性之间没有显著的相关性。

3　讨论与结论

目前，国内外关于辐射污染区里海盐爪爪的研

表3　土壤样品理化性质

Tab. 3　Physical and chemical properties of soil samples

处理	pH	全氮 /(g·kg^{-1})	有机质 /(g·kg^{-1})	全盐 /(g·kg)$^{-1}$	有效磷 /(mg·kg)$^{-1}$	速效钾 /(mg·kg^{-1})	电导率 /(mS·cm^{-1})
CK	9.6±1.1a	0.84±0.01a	9.4±0.3a	3±0.1a	7.2±0.11a	580±11.2a	1122±48.4a
L	9.4±1.3a	0.83±0.02a	8.8±0.5b	4.8±0.1b	11±0.22b	464±23.3b	1610±36.2b
M	9.6±1.2a	0.68±0.03b	7.2±0.25c	5±0.3c	3.8±0.03c	350±15.5c	1894±37.3c
H	8.8±1.4b	1.26±0.08c	12.3±0.15d	4.8±0.1b	29.4±1.04d	417±16.3d	1610±42.1b

表4　多样性指数与环境因子相关性分析

Tab. 4　Correlation analysis between diversity index and environmental factors

	pH	全氮/(g·kg^{-1})	有机质/(g·kg^{-1})	全盐/(g·kg^{-1})	有效磷/(mg·kg^{-1})	速效钾/(mg·kg^{-1})	电导率/(mS·cm^{-1})	氯根/(g·kg^{-1})	辐射剂量/(Bq·kg^{-1})
Simpson	−0.896	0.971	0.988	−0.039	0.942	0.217	−0.306	0.497	0.55
*P*值	0.104	0.029	0.012	0.961	0.058	0.783	0.694	0.503	0.33
Shannon	−0.313	0.488	0.606	−0.525	0.409	0.793	−0.771	0.992	0.22
*P*值	0.687	0.512	0.394	0.475	0.591	0.036	0.229	0.008	0.39

究较为有限。不同辐射污染强度对里海盐爪爪内生微生物的影响等研究更是鲜有报道。本研究对干旱盐碱辐射生态系统中的里海盐爪爪内生菌群落多样性进行了分析。结果表明，不同辐射强度污染区的里海盐爪爪内生菌群落代谢活性、碳源利用类型和多样性存在明显差异，其中微生物多样性中Simpson指数主要与土壤全氮、有机质显著相关，而Shannon指数主要与与速效钾、氯根浓度显著相关，但两者与辐射强度之间相关性不显著。本文揭示了不同辐射污染强度对里海盐爪爪内生菌群落多样性的影响，但相关论点仍需进一步的研究。

近年来，已有大量来自中国核辐射污染区潜在的新物种资源不断被发现[26-27]。该地区环境条件恶劣，虽少有植被，但在泉眼或季节性河道附近可见零星的耐旱盐生植物生长。相关研究也已证实，藜科植物对该环境中的^{137}Cs和^{239}Pu等具有极高的吸收和转移能力，可提高宿主植物的抗逆境能力[19,21]。同时，本研究也发现，在里海盐爪爪的地上部分样品中，中度辐射污染区样品的代谢活性显著高于其他污染区样品值；与各处理组相比，根部样品中的CK和L组中的内生菌代谢活性相对较高。结合已有报道发现，在辐射区生态系统中，某些真菌可富集放射性物质[28]，并可将放射性物质带入食物链，可刺激某些真菌产孢和促进生长[29-30]。因此，推断在本实验中，低、中度辐射对里海盐爪爪内生菌起到刺激生长的作用，使其具有较高的代谢活性；但高辐射剂量可能对微生物生长和代谢造成损伤，所以植物的地上部分及根部在高辐射剂量下代谢活性均偏低。在对六类碳源利用情况的分析中，不同辐射强度污染区的里海盐爪爪内生菌群落的碳源利用存在明显差异。在地上部分，碳水化合物和氨基酸为主要利用碳源类型。在根部样品中，多聚物类和酚酸类的利用率较高。已知酚酸类具有抗氧化作用，胞外多聚物可改变细菌絮体的表面特性和颗粒污泥的物理特性，促进细胞间的凝聚和结构的稳定，由于辐射污染区放射性元素一般富集在土壤中，所以里海盐爪爪根部的内生菌群落对这两类碳源的利用率上升可能与此相关。

此外，相关研究表明，植物内生菌代谢活性是自身群落特征与外部环境因子综合作用的结果，受植物种类、覆盖率及土壤的理化因素等多因素影响。本研究中，土壤pH均呈碱性，全氮、有机质、速效钾和氯根对里海盐爪爪内生菌群落多样性有显著影响，但辐射强度与里海盐爪爪内生菌群落多样性之间没有显著的相关性。尽管如此，目前有关天然高本底辐射地区的研究结果表明，生长周期越长的植物，受本底辐射影响越显著，在一定辐射剂量率下，接受辐射剂量与时间成正比[31]。因此，虽然本研究中不同辐射强度与里海盐爪爪内生菌群落多样性之间没有显著的相关性，但也不能排除辐射对微生物某类群的长期累积作用，从而导致群落间的差异，相关论点仍需进一步的研究。

本文初步揭示了不同辐射强度对里海盐爪爪内生微生物生长代谢，碳源利用及群落多样性的影响，为阐明内生菌与宿主之间及辐射胁迫的相互关系，揭示辐射污染区微生物的物种多样性，以及进一步开展辐射污染区微生物适应机理和开发利用提供了科学依据。

参考文献(References)：

[1] Xu S, Xing Y, Liu S, et al. Role of novel bacterial *Raoultella* sp. strain X13 in plant growth promotion and cadmium bioremediation in soil[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2019, 103(2): 3887–3897.

[2] Bilal L, Asaf S, Hamayun M, et al. Plant growth promoting endophytic fungi *Asprgillus fumigatus* TS1 and *Fusarium proliferatum* BRL1 produce gibberellins and regulates plant endogenous hormones[J]. Symbiosis, 2018, 17: 1–11.

[3] Bourassa S, Brodeur J, Yves Carrière. Endophyte-grass complexes

and the relationship between feeding preference and performance in a grass herbivore[J]. Entomologia Experimentalis et Applicata, 2007, 124(2): 221-228.

[4] Nasim F U H, Naureen A, Saleem M, et al. PAAN135, a novel rhizospheric fungus associated with Cholistan desert grass Panicum antidotale, is a species of Saccharomycetales and a new source of cyclo-L-prolylglycine diketopiperazine[J]. Symbiosis, 2017: 1-10.

[5] Rosa L H, Queiroz S C N, Moraes R M, et al. Coniochaeta ligniaria: Antifungal activity of the cryptic endophytic fungus associated with autotrophic tissue cultures of the medicinal plant *Smallanthus sonchifolius*(Asteraceae)[J]. Symbiosis, 2013, 60(3): 133-142.

[6] Ludwig- Müller, Jutta. Plants and endophytes: Equal partners in secondary metabolite production[J]. Biotechnology Letters, 2015, 37(7): 1325-1334.

[7] Arora D, Sharma N, Singamaneni V, et al. Isolation and characterization of bioactive metabolites from *Xylaria psidii*, an endophytic fungus of the medicinal plant *Aegle marmelos* and their role in mitochondrial dependent apoptosis against pancreatic cancer cells [J]. Phytomedicine, 2016: S0944711316301192.

[8] Li Y, Li P, Mou Y, et al. Enhancement of diepoxin production in liquid culture of endophytic fungus *Berkleasmium* sp. Dzf12 by polysaccharides from its host plant *Dioscorea zingiberensis*[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2012, 28(4): 1407-1413.

[9] Wu L, Min J, Ling C, et al. Cytotoxic and antifungal constituents isolated from the metabolites of endophytic fungus DO14 from *Dendrobium officinale*[J]. Molecules, 2015, 21(1): E14.

[10] Mapperson R R, Kotiw M, Davis R A, et al. The diversity and antimicrobial activity of *Preussia* sp. endophytes isolated from Australian dry rainforests[J]. Current Microbiology, 2014, 68(1): 30-37.

[11] 王静娅, 王明亮, 张凤华. 干旱区典型盐生植物群落下土壤微生物群落特征[J]. 生态学报, 2016, 36(8): 2363-2372. [Wang Jingya, Wang Mingliang, Zhang Fenghua. Soil microbial properties under typical halophytic vegetation communities in arid regions[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(8): 2363-2372.]

[12] 木尼热木·阿力木江, 楚敏, 唐琦勇, 等. 辐射污染区盐爪爪根际可培养细菌群落组成及功能特性[J]. 微生物学通报, 2018, 45(7): 23-32. [Muniremu Alimujiang, Chu Min, Tang Qiyong, et al. Community composition and functional characteristics of bacteria in the rhizosphere of *Kalidium foliatum* from the radiation polluted area[J]. Microbiology China, 2018, 45(7): 23-32.]

[13] 张志东, 张丽娟, 朱静, 等. 核辐射污染区真菌的分布及多样性研究[J]. 微生物学杂志, 2018, 38(1): 50-57. [Zhang Zhidong, Zhang Lijuan, Zhu Jing, et al. Preliminary study on fungi distribution and diversity in nuclear radiation polluted area[J]. Journal of Microbiology, 2018, 38(1): 50-57.]

[14] Hassan E, Beattie G A. Mining halophytes for plant growth-promoting halotolerant bacteria to enhance the salinity tolerance of non-halophytic crops[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 148-149.

[15] 雍艳华, 张霞, 王绍明, 等. 新疆典型盐生植物营养器官盐分积累与生态化学计量特征[J]. 植物生态学报, 2016, 40(12): 1267-1275. [Yong Yanhua, Zhang Xia, Wang Shaoming, et al. Salt accumulation in vegetative organs and ecological stoichiometry characteristics in typical halophytes in Xinjiang, China[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2016, 40(12): 1267-1275.]

[16] 刘琳, 张富春, 曾幼玲. 盐爪爪 Na^+/H^+逆向转运蛋白和焦磷酸酶的亚细胞定位[J]. 西北植物学报, 2009, 29(3): 463-468. [Liu Lin, Zhang Fuchun, Zeng Youling. Subcellular localization of Na^+/H^+ antiporter and H^−-PPase of *Kalidium foliatum*[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2009, 29(3): 463-468.]

[17] 杨瑞瑞, 曾幼玲. 盐生植物盐爪爪的耐盐生理特性探讨[J]. 广西植物, 2015, 35(3): 366-372. [Yang Ruirui, Zeng Youling. Physiological characteristics of the halophytic plant *Kalidium foliatum* to salt stress[J]. Guihaia, 2015, 35(3): 366-372.]

[18] Diene O, Sakagami N, Narisawa K. The role of dark septate endophytic fungal isolates in the accumulation of cesium by Chinese cabbage and tomato plants under contaminated environments[J]. PLoS One, 2014, 9(10): 230-233.

[19] 徐辉, 金玉仁, 李伟平, 等. 放射性污染区内沙漠植物中 ^{90}Sr 的含量及分布[J]. 核化学与放射化学, 2011, 33(1): 18-24. [Xu Hui, Jin Yuren, Li Weiping, et al. Specific activity and distribution of ^{90}Sr in desert plants from a contaminated site[J]. Journal of Nuclear and Radiochemistry, 2011, 33(1): 18-24.]

[20] 唐秀欢, 潘孝兵, 万俊生, 等. 某放射性污染区盐生植物对 ^{137}Cs 的吸收研究[J]. 核农学报, 2008, 22(3): 319-323. [Tang Xiuhuan, Pan Xiaobing, Wan Junsheng, et al. Caesium-137 accumulation by halophytes at a radionuclide contaminated sitel[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2008, 22(3): 319-323.]

[21] 徐辉, 金玉仁, 田梅, 等. 钚在放射性污染区沙漠植物中的含量[J]. 原子能科学技术, 2012, 46(5): 524-529. [Xu Hui, Jin Yuren, Tian Mei, et al. Concentration of plutonium in desert plants from contaminated area[J]. Automic Energy Science and Technology, 2012, 46(5): 524-529.]

[22] Sun X, Ding Q, Hyde K D, et al. Community structure and preference of endophytic fungi of three woody plants in a mixed forest[J]. Fungal Ecology, 2012, 5: 624-632.

[23] 徐万里, 唐光木, 葛春辉, 等. 长期施肥对新疆灰漠土土壤微生物群落结构与功能多样性的影[J]. 生态学报, 2016, 35(2): 468-477. [Xu Wanli, Tang Guangmu, Ge Chunhui, et al. Effects of long term fertilization on diversities of soil microbial community structure and function in grey desert soil of Xinjiang[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 35(2): 468-477.]

[24] 陈志芳. 戴云山不同森林类型土壤微生物群落多样性特征的研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2014. [Chen Zhifang. Study on the Diversity Characteristics of Soil Microbial Community of Different Forest Types in Daiyun Mountain[D]. Fuzhou: Fujian Agricultural and Forestry University, 2014.]

[25] Jiang S Y, Wang W X, Xue X X. Diversity in microbial carbon metabolism of the oil Shale at the Western Open Group in Fushun Ba-

sin[J]. Advanced Materials Research, 2014, 87(6): 140–144.

[26] Mao J, Tang Q, Zhang Z, et al. *Streptomyces radiopugnans* sp. nov. a radiation-resistant actinomycete isolated from radiation-polluted soil in China[J]. International Journal of Sysmatic and Evolutionary Microbiology, 2007, 57(11): 2578–2582.

[27] Wang W, Mao J, Zhang Z, et al. *Deinococcus wulumuqiensis* sp. nov. and *Deinococcus xibeiensis* sp. nov. isolated from radiation-polluted soil[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2009, 60(9): 2006–2010.

[28] Mcgee E J, Synnott H J, Johanson K J, et al. Chernobyl fallout in a Swedish spruce forest ecosystem[J]. Journal of Environmental Radioactivity, 2000, 48(1): 59–78.

[29] Baeza A, Guillén J. Influence of the soil bioavailability of radionuclides on the transfer of uranium and thorium to mushrooms[J]. Appl Radiat Isot, 2006, 64(9): 1020–1026.

[30] Dighton J, Tugay T, Zhdanova N. Fungi and ionizing radiation from radionuclides: Fungi and ionizing radiation[J]. FEMS Microbiology Letters, 2008, 281(2): 109–120.

[31] 朱静, 张志东, 顾美英, 等. 阳江高本底辐射土壤微生物群落代谢特征研究[J]. 环境科学与技术, 2017, 40(6): 39–44. [Zhu Jing, Zhang Zhidong, Gu Meiying, et al. Investigation on metabolic characteristics of soil microbial community under high background radiation in Yangjiang[J]. Environmental Science & Technology, 2017, 40(6): 39–44.]

The effect of radiation on the diversity of endophytic microbial communities in *Kalidium capsicum*

LIU Xiao-jing, TANG Qi-Yong, ZHANG Li-Juan, GU Mei-Ying, ZHANG Zhi-Dong, WANG Bo, WANG Wei, ZHU Jing

(*Institute of Microbiology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/ Xinjiang Key Laboratory of Special Environmental Microbiology, Urumqi* 830091, *Xinjiang, China*)

Abstract: We explore the effect of different radiation intensities on endophytic microbial communities in different tissues of *Kalidium capsicum*. Biolog-Eco method combined with the physical and chemical indicators of soil, the metabolic activities, the types of carbon source utilization, diversity, principal components, and environmental factors of the endophytic microbial communities in the aerial parts and roots of *K. capsicum* from different radiation-contaminated areas of Xinjiang were analyzed. The results showed that (1) the average well color development (AWCD) increased with the culture time, and the metabolic activities of endophytic communities in different tissues were significantly different. (2) The main microorganisms in the aerial parts used carbohydrates and amino acids, whereas the mainmicroorganisms in the roots used carbohydrates, amino acids, carboxylic acids, and polymers. (3) The endophytic community structure of different radiation-contaminated areas and the different parts of the *K. capsicum* were significantly different. Especially in the root samples, the AWCD and diversity index of the moderate radiation area were significantly lower than those of other areas. (4) There were significant differences in the endophytic community structure among different samples of radiation-contaminated areas and different parts of the plant. Correlation analysis showed that soil total nitrogen, organic matter, available potassium, and chloride had significant effects on microbial community diversity, but there was no significant correlation between radiation intensity and endophytic community diversity. This study revealed the effects of radiation intensities on the growth and metabolism of endogenous microorganisms, the use of carbon sources, and community diversity. It provided a scientific basis for the development and utilization of microbial resources in radiation-contaminated areas.

Keywords: endophytic microbial communities; *Kalidium capsicum*; metabolic characteristics; radiation pollution; Xinjiang